

1/45

Figure 1 : Alignment of the BASB132 polynucleotide sequences.**Identity to SeqID N :1 is indicated by a dot. Gap is indicated by a dash.**

*	20	*
Seqid1	: ATGACTCATCAGGATAATTCAAAAAACTCG	: 30
Seqid3	: -----	: -
	40	*
Seqid1	: TCATCGGCAGAAAATGGGGTTTCTGCTGGC	: 60
Seqid3	: -----	: -
	*	80
Seqid1	: GTTGCTGCACCGACTAAAACTCAGCCCAA	: 90
Seqid3	: -----	: -
	100	*
Seqid1	: CCACCAAACCCACCCAAACCACAATGGCTA	: 120
Seqid3	: -----	: -
	*	140
Seqid1	: ATCTATTTAATTCGCTTAATTGTCGGAGCA	: 150
Seqid3	: -----	: -
	160	*
		180

2/45

Seqid1 : ATTATTGCCGCTTTATTGTTGTTGGCGGTG : 180

Seqid3 : ----- :

* 200 *

Seqid1 : TTATTTGCCATGACCAACAGCGAGTCAGGT : 210

Seqid3 : ----- : -

220 * 240

Seqid1 : TCAAAGTTTTTAATCGAAAAAATTGCGTTA : 240

Seqid3 : ----- : -

* 260 *

Seqid1 : GAAACTGGCACTAAGCTTAAGTACAGCGAA : 270

Seqid3 : ----- : -

280 * 300

Seqid1 : GGCTCAATTCGCCATGGAGTTTGGGTGCAA : 300

Seqid3 : ----- : -

* 320 *

Seqid1 : GATGTCAAAATCGCTCAAAGTGAAGATATT : 330

Seqid3 : ----- : -

3/45

	340	*	360
Seqid1	: ACCATCACCATTAATCGTGCCTATGTACAG	:	360
Seqid3	: -----	:	-
	*	380	*
Seqid1	: CTTGGGTGGCGAGCCTTGTTTGCTCGCCAA	:	390
Seqid3	: -----	:	-
	400	*	420
Seqid1	: GTGCATTTGGTCAATCCTAAGATTGATAAA	:	420
Seqid3	: -----	:	-
	*	440	*
Seqid1	: GTTTATGTGACAAACACCAAGCCATCAACA	:	450
Seqid3	: -----	:	-
	460	*	480
Seqid1	: GGCGAACCCTTTGATTATGCGACCATCAAC	:	480
Seqid3	: -----	:	-
	*	500	*
Seqid1	: CTACCAGTGACGCTTAAGCTTGAAAATGCC	:	510

4/45

Seqid3 : ----- : -

520 * 540

Seqid1 : AAAGTCAATGAAATTATCTATGACCAAGTG : 540

Seqid3 : ----- : -

* 560 *

Seqid1 : GATTCTGAGCCTGTCGTACTGCATCATATC : 570

Seqid3 : ----- : -

580 * 600

Seqid1 : GCATTTGATCACGCATCATGGGCAGATTCA : 600

Seqid3 : ----- : -

* 620 *

Seqid1 : ACAGTTAAAATTGATAACGCCATGCTAAGC : 630

Seqid3 : ----- : -

640 * 660

Seqid1 : TATGGTGATGATATTAATATCAGCCATGCC : 660

Seqid3 : ----- : -

4/45

Seqid3 : ----- : -

520 * 540

Seqid1 : AAAGTCAATGAAATTATCTATGACCAAGTG : 540

Seqid3 : ----- : -

* 560 *

Seqid1 : GATTCTGAGCCTGTCGTACTGCATCATATC : 570

Seqid3 : ----- : -

580 * 600

Seqid1 : GCATTTGATCACGCATCATGGGCAGATTCA : 600

Seqid3 : ----- : -

* 620 *

Seqid1 : ACAGTTAAAATTGATAACGCCATGCTAAGC : 630

Seqid3 : ----- : -

640 * 660

Seqid1 : TATGGTGATGATATTAATATCAGCCATGCC : 660

Seqid3 : ----- : -

5/45

* 680 *

Seqid1 : ACTGGTGGAATTGATTTAACAGGTCATTAT : 690

Seqid3 : ----- : -

700 * 720

Seqid1 : CCGCTGTCGTTGTCGGCAGATGTGCATATT : 720

Seqid3 : ----- : -

* 740 *

Seqid1 : TTGGCACTTGATGATGCGTATTTTGATACT : 750

Seqid3 : ----- : -

760 * 780

Seqid1 : TTGTCGGTGAAAGCAGGCGGTAGCCTTAAG : 780

Seqid3 : ----- : -

* 800 *

Seqid1 : CGTACCGTTGGTACACTCACTGGCAAATAT : 810

Seqid3 : ----- : -

820 * 840

6/45

Seqid1 : AATCAGCATCATGTGACAGGCAGCTTTATC : 840

Seqid3 : ----- : -

*

860

*

Seqid1 : GCTCAAGGGTTGGATAAAAACTCACCTTTT : 870

Seqid3 : ----- : -

880

*

900

Seqid1 : AGCGCACGCCTTGATTTTGATGAAGTACGA : 900

Seqid3 : ----- : -

*

920

*

Seqid1 : TTGCCTTATGCTGACAGTCAAAATATTTTA : 930

Seqid3 : ----- : -

940

*

960

Seqid1 : CTAAAAAATGGCTCTATCATCGCTGATGGC : 960

Seqid3 : ----- : -

*

980

*

Seqid1 : GTCATCTCAAATATCGAGCTACGCATTAAC : 990

7/45

Seqid3 : ----- : -

1000 * 1020

Seqid1 : ACTGAGTTATCCGCCAAAGATATTCCTGAT : 1020

Seqid3 : ----- : -

* 1040 *

Seqid1 : GGGCATTATCACGGTCGTGGAATTATTCGT : 1050

Seqid3 : ----- : -

1060 * 1080

Seqid1 : GGCAGTACCATGCAAATCCCATATTTGCAG : 1080

Seqid3 : ----- : -

* 1100 *

Seqid1 : GCTGATACTGCCAATGGTACTTTGGTGGCA : 1110

Seqid3 : ----- : -

1120 * 1140

Seqid1 : ACGGGTGATATGACTTGGGAAGATGGCTAT : 1140

Seqid3 : ----- : -

8/45

* 1160 *

Seqid1 : GAGCTTGATGCCACCATTACAGCAGACGGC : 1170

Seqid3 : ----- : -

1180 * 1200

Seqid1 : TATCGTATCCGTGAAGAGATGCCAAGTGAT : 1200

Seqid3 : ----- : -

* 1220 *

Seqid1 : TATCATGAATATAGAGCCTATCTACCTAAG : 1230

Seqid3 : ----- : -

1240 * 1260

Seqid1 : GTTTTGACAGGCTCACTTGGGGTTAAGTAT : 1260

Seqid3 : ----- : -

* 1280 *

Seqid1 : ACGCTATTAGACAAAGCCAGTCATGATACT : 1290

Seqid3 : ----- : -

1300 * 1320

9/45

Seqid1 : CGGTTTGAGTTTGATCTGAATCAAAAAGAC : 1320

Seqid3 : ----- : -

* 1340 *

Seqid1 : GGTGAACGCATTCAAGCGACGCTGGCTCAA : 1350

Seqid3 : ----- : -

1360 * 1380

Seqid1 : AATCAACAGAGTGATCATGAGCCTTGGCGT : 1380

Seqid3 : ----- : -

* 1400 *

Seqid1 : ATTGATGCGACTTGGGCAAATCTAATCCGC : 1410

Seqid3 : ----- : -

1420 * 1440

Seqid1 : CATGATATTCCACAAATTGGCGAGATTCAT : 1440

Seqid3 : ----- : -

* 1460 *

Seqid1 : AGCCGCTCAGGTCAGGCATCAGTTCGTTTG : 1470